

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

**(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro**



**(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
4. Januar 2001 (04.01.2001)**

PCT

**(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 01/00802 A2**

- (51) Internationale Patentklassifikation⁷:** C12N 15/00 **(81) Bestimmungsstaaten (national):** AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.
- (21) Internationales Aktenzeichen:** PCT/EP00/05853
- (22) Internationales Anmeldedatum:**
23. Juni 2000 (23.06.2000)
- (25) Einreichungssprache:** Deutsch
- (26) Veröffentlichungssprache:** Deutsch
- (30) Angaben zur Priorität:**
199 29 365.1 25. Juni 1999 (25.06.1999) DE
- (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US):** BASF-LYNX BIOSCIENCE AG [DE/DE]; D-69120 Heidelberg (DE).
- (72) Erfinder; und**
- (75) Erfinder/Anmelder (nur für US):** MACK, Matthias [DE/DE]; Mönchhofstrasse 3 C, D-69120 Heidelberg (DE). HERBSTER, Karin [DE/DE]; Kolpingstrasse 23a, D-76694 Forst (DE).
- (74) Anwalt:** GOLDSCHEID, Bettina; BASF Aktiengesellschaft, D-67056 Ludwigshafen (DE).

Veröffentlicht:

— Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes, und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

A2
(54) Title: PARTIAL SEQUENCES OF THE GENES OF THE PRIMARY AND SECONDARY METABOLISM FROM CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM AND THEIR USE IN THE MICROBIAL PRODUCTION OF PRIMARY AND SECONDARY METABOLITES

(54) Bezeichnung: TEILSEQUENZEN DER GENE DES PRIMÄR- UND SEKUNDÄRMETABOLISMUS AUS CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM UND IHR EINSATZ ZUR MIKROBIELLEN HERSTELLUNG VON PRIMÄR- UND SEKUNDÄRMETABOLITEN

(57) Abstract: The invention relates to methods of producing primary and secondary metabolites using genetically engineered organisms.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung befasst sich mit Herstellungsverfahren für Primär- und Sekundärmetabolite mit Hilfe gentechnisch veränderter Organismen.

WO 01/00802 A2

Teilsequenzen der Gene des Primär- und Sekundärmetabolismus aus *Corynebacterium glutamicum* und ihr Einsatz zur mikrobiellen Herstellung von Primär- und Sekundärmetaboliten

5

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung befaßt sich mit den Herstellungsverfahren für Primär- und Sekundärmetabolite mit Hilfe eines gentechnisch veränderten Organismus. Diese Erfindung besteht in Teilsequenzen von Genen, die anabolische und katabolische Enzyme aus *Corynebacterium glutamicum* kodieren, und aus ihrem Einsatz zur mikrobiellen Herstellung von Metaboliten.

15 Die Konzentrationen der Metabolite sind in lebenden Zellen gewöhnlich gut ausbalanciert und überschreiten nicht eine gewisse Grenze. Unter manchen Wachstumsbedingungen oder als Folge einer gentechnischen Veränderung können sie allerdings im Überschuß gebildet und in das Kulturmedium ausgeschieden werden. Für das
20 Zellwachstum kann man relativ billige Stoffe als Kohlenstoffquelle verwenden. Mit Hilfe des biochemischen Potentials der Zellen (in den meisten Fällen mikrobiellen Ursprungs) oder der Enzyme lassen sich diese preiswerten Stoffe in ein breites Spektrum wertvollerer Substanzen umwandeln. Zur fermentativen
25 Herstellung von Metaboliten zu Verkaufszwecken setzt man insbesondere Mikroorganismen ein. Mikroorganismen lassen sich durch gentechnische Veränderung der Biosynthesewege in ihrer Biosyntheseleistung auf bestimmte Metabolite hin optimieren, und man erzielt dadurch höhere Syntheseleistungen. Gentechnische Verände-
30 rung meint hier, daß die Anzahl der Kopien oder die Geschwindigkeit der Transkription bestimmter Gene für bestimmte Synthesewege erhöht ist. Allerdings muß man die geeigneten Zielgene für diese Verbesserung zuerst identifizieren. Wir beschreiben nun im folgenden die Zielgene und Teilsequenzen davon, die durch Klonen der
35 DNA und anschließende Sequenzierung mit dem Ziel der Stammverbesserung identifiziert wurden.

Ein Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 1 beschrieben ist oder
40 sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 1 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 2 beschrieben ist
45 oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 2 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

2

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 3 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 3 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

5

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 4 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 4 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

10

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 5 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 5 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

15

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 6 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 6 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

20

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 7 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 7 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

25

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 8 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 8 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

30

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 9 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 9 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

35

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 10 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 10 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

40

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht in einem Genfragment mit einer Nucleotidsequenz, die in der SEQ ID NR. 11 beschrieben ist oder sich von dieser Sequenz SEQ ID NR. 11 durch Substitution, Insertion oder Deletion von bis zu 20 % der Nucleotide ableitet.

45

3

Ein weiterer Teil der Erfindung besteht im Einsatz der Nucleotidsequenz SEQ ID NR. 1 oder SEQ ID NR. 2 oder SEQ ID NR. 3 oder SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 oder SEQ ID NR. 6 oder SEQ ID NR. 7 oder SEQ ID NR. 8 oder SEQ ID NR. 9 oder SEQ ID NR. 10 oder SEQ ID NR. 11 zur Konstruktion genetisch modifizierter Mikroorganismen.

Die vollständigen Gene lassen sich mit Hilfe konventioneller Techniken wie Hybridisierung herstellen, wobei man von den oben 10 offenbarten Genfragmenten ausgeht. Diese Gene lassen sich einsetzen zur Konstruktion rekombinanter Wirtsorganismen, die die Biosynthese wertvoller Bioprodukte, wie Aminosäuren, Fettsäuren, Kohlenhydrate, Vitamine und Kofaktoren ermöglichen. Die biologische Aktivität dieser Gene wird im experimentellen Teil dieser 15 Beschreibung offenbart. Mit Hilfe dieser Gene wird es möglich, Engpässe bei der Biosynthese von Bioprodukten zu umgehen und so die Syntheseleistung mikrobieller Systeme zu steigern.

Ein weiterer Gesichtspunkt dieser Erfindung besteht in einem 20 Expressions-Vektor mit zumindest einem der oben erwähnten Polynucleotide. Der Expressions-Vektor verbindet funktionell eines oder mehrere dieser Polynucleotide mit regulatorischen Einheiten wie Promotoren, Terminatoren, ribosomale Bindungsstellen und dergleichen. Gewöhnlich gehören zu einem Expressions-Vektor weitere 25 Einheiten wie Genmarker und Replikationsabschnitte.

Ein weiterer Gesichtspunkt der Erfindung besteht in der mit einem Expressions-Vektor transformierten Wirtszelle.

30 Zur gentechnischen Veränderung kann man jeden beliebigen prokaryontischen Mikroorganismus verwenden, vorzugsweise *Corynebacterium*- und *Bacillus*-Arten, aber auch jeden beliebigen eukaryontischen Mikroorganismus, vorzugsweise Hefestämme der Gattung *Ashbya*, *Candida*, *Pichia*, *Saccharomyces* und *Hansenula*.

35 Ein weiterer Gesichtspunkt der Erfindung besteht in einer Methode zur Herstellung und Reinigung eines Polypeptids, die in folgenden Schritten besteht:

40 (a) Kultivierung der Wirtszelle aus Anspruch 3 unter Bedingungen, die für die Expression des Peptids geeignet sind; und

(b) Gewinnung des Polypeptids aus der Wirtszellkultur.

45 In den folgenden Beispielen wird die Erfindung detaillierter beschrieben.

Beispiel 1

Herstellung einer Genombibliothek von *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032

- 5 Die DNA aus dem Genom von *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 lässt sich nach Standardmethoden gewinnen, die z.B. von Altenbuchner, J. und Cullum, J. (1984, Mol. Gen. Genet. 195:134-138) beschrieben sind. Die Genom-Bibliothek lässt sich daraus mit jedem 10 beliebigen Klonierungsvektor, z.B. pBluescript II KS- (Stratagene) oder ZAP Express™ (Stratagene), nach Standardvorschriften gewinnen (z.B. Sambrook, J. et al. (1989) Molecular cloning: a laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press). Jede beliebige Fragmentgröße kann man dabei verwenden, vorzugsweise 15 Sau3AI-Fragmente mit einer Länge von 1 kb, die sich in Klonierungsvektoren mit verdautem BamHI einbinden lassen.

Beispiel 2**20 Analyse der Nucleinsäuresequenzen der Genombibliothek**

- Aus der im Beispiel 1 hergestellten Genombibliothek kann man einzelne *E. coli*-Klone auswählen. *E. coli*-Zellen werden nach Standardmethoden in geeigneten Medien kultiviert (z.B. LB ergänzt 25 mit 100 mg/l Ampicillin), und danach lässt sich dann die Plasmid-DNA isolieren. Klont man Genomfragmente aus der DNA von *Corynebacterium glutamicum* in pBluescript II KS- (siehe Beispiel 1), lässt sich die DNA mit Hilfe der Oligonucleotide 5'- AATTAAC- CCTCACTAAAGGG-3' und 5'-GTAATACGACTCACTATAGGGC-3' sequenzieren.

30

Beispiel 3

Computeranalyse der isolierten Nucleinsäuresequenzen

- 35 Die Nucleotidsequenzen lassen sich z.B. mit Hilfe des BLASTX-Algorithmus (Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-410) aneinanderfügen. Auf diesem Weg kann man neuartige Sequenzen entdecken und die Funktion dieser neuartigen Gene aufklären.

40 Beispiel 4

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für die Fettsäuresynthase (2.3.1.85)

- 45 Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde, an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine

5

Sequenz, wie sie mit SEQ ID NR. 1 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) ergab diese Sequenz Ähnlichkeit mit Fettsäuresynthasen aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit war mit einem Fragment mit 519

5 Basenpaaren für die Fettsäuresynthase aus *Corynebacterium ammoniagenes* gegeben (NRDB Q04846; 68% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 5

10

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit dem Gen für die Phytoen-Dehydrogenase (EC 1.3.-.-)

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 2 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Phytoen-Dehydrogenasen aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit der Phytoen-Dehydrogenase aus *Methanobacterium thermoautotrophicum* (NRDB O27835; 37% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 6

25

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit dem Gen für die Alkohol-Dehydrogenase (EC 1.1.1.1)

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 3 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Alkohol-Dehydrogenasen aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit der Alkohol-Dehydrogenase aus *Bacillus stearothermophilus* (NRDB P42327; 50% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 7

40

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für ein Homologes der Adenosylmethionin-8-Amino-7-oxononanoat-Aminotransferase (EC 2.6.1.62)

45 Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine

6

Sequenz, die als SEQ ID NR. 4 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Adenosylmethionin-8-Amino-7-oxononanoat-Aminotransferasen aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 342 Basenpaaren bestehenden Fragment für die Adenosylmethionin-8-amino-7-oxononanoat-Aminotransferase aus *Erwinia herbicola* (NRDB P53656; 40% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

10 Beispiel 8

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für ein Homologes der Phosphoglycerat-Mutase 2 (EC 5.4.2.1)

15 Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 5 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Phosphoglycerat-Mutassen 2 aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 204 Basenpaaren bestehenden Fragment für die Phosphoglycerat-Mutase 2 aus *Mycobacterium tuberculosis* (NRDB P71724; 54% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

25

Beispiel 9

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für die Xylulose-Kinase (EC 2.7.1.17)

30

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 6 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Xylulose-Kinasen aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 633 Basenpaaren bestehenden Fragment für die Xylulose-Kinase aus *Streptomyces rubiginosus* (NRDB P27156; 48% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

40 Beispiel 10

Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für eine Fettsäure-CoA-Ligase für langkettige Fettsäuren (EC 6.2.1.3)

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 7 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Fettsäure-CoA-Ligasen für langkettige Fettsäuren aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 369 Basenpaaren bestehenden Fragment für die Fettsäure-CoA-Ligase für langkettige Fettsäuren aus *Archaeoglobus fulgidus* (NRDB 030302; 48% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 11

15 Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für die Guanosinpentaphophat-Synthetase

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 8 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit Guanosinpentaphophat-Synthetasen aus verschiedenen Organismen. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 606 Basenpaaren bestehenden Fragment für die Guanosinpentaphosphate-Synthetase aus *Streptomyces coelicolor* (NRDB 086656; 70% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 12

30 Identifizierung eines *E. coli*-Klons mit einem Genfragment für ein NTRB-Homologes

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 9 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit NTRB-Homologen aus verschiedenen Organismen. NTRB ist ein Regulatorgen für die Tanskription, das an der Regulierung der Stickstoffassimilation beteiligt ist. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 645 Basenpaaren bestehenden Fragment für NTRB aus *Mycobacterium leprae* (NRDB Q50049; 61% Übereinstimmung auf der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 13

Identifizierung eines *E. coli*-Klons, der ein *nifS*-Homologes enthält

5

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 10 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit *nifS* aus verschiedenen Organismen. *NifS* ist an der Stickstofffixierung beteiligt. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 594 Basenpaaren bestehenden Fragment für *nifS* aus *Mycobacterium leprae* (NRDB Q49690; 62% Übereinstimmung auf 15 der Stufe der Aminosäuren).

Beispiel 14

Identifizierung eines *E. coli*-Klons, der ein *nifU*-Homologes enthält

Bei der Analyse der *E. coli*-Klone, wie sie im Beispiel 2 beschrieben wurde und an die sich die im Beispiel 3 beschriebene Analyse der dabei erhaltenen Sequenzen anschloß, fand sich eine Sequenz, die als SEQ ID NR. 11 beschrieben ist. Bei der Anwendung des BLASTX-Algorithmus (siehe Beispiel 3) zeigte diese Sequenz Ähnlichkeit mit *nifU* aus verschiedenen Organismen. *NifU* ist an der Stickstofffixierung beteiligt. Die größte Ähnlichkeit ergab sich mit einem aus 339 Basenpaaren bestehenden Fragment für *nifU* aus *Mycobacterium leprae* (NRDB Q49683; 61% Übereinstimmung auf 30 der Stufe der Aminosäuren).

Sequenzliste

35 (I) Allgemeine Angaben

(1) Anmelder:

(A) Name:	BASF-LYNX Bioscience AG
40 (B) Straße:	Im Neuenheimer Feld 515
(C) Stadt:	Heidelberg
(D) Land:	Deutschland
(E) Postleitzahl:	69120
(F) Telephon:	06221/4546
45 (G) Telefax:	06221/454770

9

(2) Titel: Sequenzen der Gene für den Primär- und Sekundärmetabolismus im *Corynebacterium glutamicum* und ihr Einsatz zur mikrobiellen Herstellung von Primär- und Sekundärmetaboliten

5

(3) Anzahl der Sequenzen: 11

(4) Art der mit dem Computer lesbaren Form:

10

(A) Datenträger:	Diskette
(B) Computer:	IBM PC kompatibel
(C) Betriebssystem:	Windows NT
(D) Software:	Microsoft@word 97 SR-1

15

(I) Angaben zur SEQ ID NR. 1:

(1) Sequenzcharakteristika:

20 (A) Länge:	693 Basenpaare
(B) Art:	Nucleinsäure
(C) Strangtyp:	Doppelstrang
(D) Topologie:	linear

25 (2) Molekülart:	DNA
(3) hypothetisch:	nein
(4) Antisense:	nein

(5) Herkunft:

30

(A) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 1:

35 CTGTTNCCGGGGATCAGATTACACNGGTCNGCCAGTGAAGTCACGGTGATTGGCGCGGATGC
TGCCTGCTCGCAACAGTGGAAAGTTCGCTGGACAGCAGTTCTCTGCAATTCTTGGGTGGAGT
AGGTTTCCACGCCCTGCTTCTTCAGCTGCCCTGACCAAAGGATCGTTGCCGCCATGAGGCCGGTG
CCGCGAACCCAACCGATGTGAGCGTGCACGAGGGAGGTGTGTGCTCCCCATGCAGCTGCTCTGC
GTTCCAACGGGTAACCACGGCGTCGAGAGCTGCCCTGGATTCACCGTATGCACCATGCCACCGA

40 AGCGTCCACGGTTGGTGAACCTGGGATGACCACTGCAGGCCGGTGACCCACGTTGATGGAGGAG
CCCAATGGCGCAAGACCTCGCGATGAGGCCTCAACAGACCCAGAGCAGAAGTCGCATCTGGGATTC
TGCTGTGGCCTGCATCTGCATGGATCCGGACACCGCAGGGTGCCTGCGAATGGGAACAGCAAGGTAN
GGACCAAACGGCTTGACCAAGCTGGATGCNCCTGACGGNGGTGGCTGTCGATCCACCCAGTTGA
TGATGGCTCGATGTCTGATANGACTAAGTTACCGCACGATCACAGTGCTGCCNTGCGGAA

45 CGTCCTANNANTCTTGAGAATTCAAGCCGNCTGGCCGAGTTGAN

10

(I) Angaben zu SEQ ID NR. 2:

(1) Sequenzcharakteristika:

5 (A) Länge: 1869 Basenpaare
 (B) Typ: Nucleinsäure
 (C) Strangtyp: Doppelstrang
 (D) Topologie: linear
 (2) Molekülart: DNA
 10 (3) hypothetisch: nein
 (4) Antisense: nein
 (5) Herkunft:

15 (B) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 2:

ACAATCAATGTCATGACCAGCGGTGATCCAAAATTAAATTACGCTTCGGTCCCGCAATAACAAAGT
 20 TGTGAAATAACAGATGCCGTGATCGTGCCTTCATTAAGCAGGCTGATGAGCTGATCGTGAAGA
 TCGACAAACTGCTTGAGAGCAAAGAAAAAGTCCCCTTAAGTCCGATCCACACTGTTGTCCCCG
 CGGAGACGCTTGAGCACGTTCTGCAGAGATCAAACACATAGATAACGCCCCACCCCTGGAACGTG
 GGTGTCACCTGCGTCATACAGGCCATCTACTTGCAGGATTGTTAGAACCCCTAAAGAACGCCG
 ATTGTGCCAGGGTGTGAGGGGCAATGGACCCGCCCTCCAGGAGTTGATCGGTCTGCGAAG
 25 TCGGCAGGGCCGATGGTGCCTGCACAACAATGCGGCTTCCAAACCATCAATGCCAGCCATCG
 CCCAATTGAGCCACTGCTGCTATTGCGATCCGCCACCATGTCAGATTCTCTCCGTAAGCGG
 ACCCGTGACCAATGGAGACATCGGCGGGTACTGGGACCCAGGATGAAGAGGTTCTCGTGGCCTTCG
 GGTGCGGCATCGGAATCTGTTGCGGAGGTCTGGAGATCTAGATGGATTCTGAAGCCGGAAATTC
 TGGGGTGGAGCCGTCAAAACCTTGCAGGAAATCTTCGCTCCAGTCGGAGGAAAAGCAGGGTGTG
 30 CTCCCCCTTCACGCCCTGCCAAAACCAGCACAGTACTGAGGCCGGTTGTTGTTCTTCAGCTCG
 TCTCCGGCTTCGGCACAACGAAGCAGGTAGGAGTTGGGTTTCGGTGTGGCTGATCAGCGCAG
 CTGATCACGATATCGGCTTCGATGAACCTCTGAGCCGACTTGGACGCCCTGTCGTTTCGGCCTTG
 GGTGGTGTGATTGCGCTGACGGGGGTGCCGAGGTGGAGGACGGCGTCGTCGATAAGCGAAATTAGTG
 CCTTGATGAAGCCGGTGAAGCCGCCCTGGGGATAGGAGACGCCCTGGACGAGGTCGGTGTGGCTC
 35 ATGAGGTGATAGAGCGCCGGGTGTGCGAAGGGTCTGAGGAGAGAGAAAATGCGGGGTAGCTTAA
 GATTGCGCAGTTTGATCGCGGAATTGGGTGTTGACCTTGACTTTAGCGAGGTCGACAGGC
 TTGCTAGAAGTTGGTAAAAGGCCAGCATGCCGGGCTTAAGTATGGGATGAAGTTGGTGAAG
 TTGGTGTAGAGGAAGCCGTCGATGCCAGGTTGAGACCTGTTGCGGAGTCGATATAGGTGCG
 CAGTTGGCGCCGGGCCGGGTTGCCGAGGATTGAAAAGCTGCCATCGCATCGATGTCGGAGG
 40 TGACGTCGATGAATTGCCCTGGTCGATGACGCCGTAGGCCGGTTCAAGTGGCACGAGGTCG
 AGGTGGTCGATGGAGGTGCCGAGAGCTTAAAGAAGTGGACATGGCGTCGGCATGAGGTA
 CCAGCTGGGGCCGGTGTCCAGCGGAAGCCGTCGAGTTGAGGTCGATGTCGAGGTT
 GCTCGTTTGTGACGAGGTGGACTTCATATCCTCGCTAAGAGCAGTGCCTGGTGGCTAGT
 CCTGCTAGTCCCCGCCGATGACCACTGCTTTGTCATTGAAACACTTCTTCCACATTGCT
 45 TTGGTTGCCAGGCTGGCTTTTCATAGACGGCACCGAATCCGCCGTTTTAAGTCTCGAG

11

GGACGCGGATTCCAGGTTGCCACGAGGCAACCGTAGAGAGATCGGTGCGGGCGCACACCGGTT
 GCGCGCAAATGGCAGCAGCGGAATGCTCAGCCGGCGGCATCCAAATC

(I) Angaben zur SEQ ID NR. 3:

5

(1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge: 1035 Basenpaare

(B) Typ: Nucleinsäure

10 (C) Strangtyp: Doppelstrang

(D) Topologie: linear

(2) Molekülart: DNA

(3) hypothetisch: nein

15 (4) Antisense: nein

(5) Herkunft:

(C) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

20

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 3:

ATGACCAC TGCTGCACCCCAAGAATT TACCGCTGCTGTTGAAA ATT CGTTCATGACGTGAC
 CGTGAAGGATATTGACCTTCAAAGCCAGGGCACACCAGGCATTGGTGAAGGTACTCACCTCCG
 25 GCATTTGCCACACCGACCTCCAACGCCCTGGAGGGCATTGGCAGTAAAGCCGAACCAACCATT
 GTACCAGGACACGAAGGTGTAGGTGAAGTTGAGCTCGGACCAGGTGAACACGATGTGAAGGT
 CGCGATATTGTCGGCAATGCGTGGCTCTGGTCAGCGTGTGGCACCTGCGAATACTGCATCACCG
 GCAGGGAAACTCAGTGCAACGAAGCTGAGTATGGTGGCTACACCCAAATGGATCCTCGGCCAG
 TACATGCTGGTGGATACCCGTTACGCCGCTCGCATCCCAGACGGCGTGGACTACCTCGAACGAGC
 30 ACCAATTCTGTGTGCAAGGCGTGA C TGTCTACAAGGCACTCAAAGTCTCTGAAACCCGCCCGGGCC
 AATT CATGGT GATCTCCGGTGTGGCGGACTTGGCCACATCGCAGTCAA TACGCAGCGGCGATG
 GGCATGCGTGTCA TTGCGGTAGATATTGCGGATGACAAGCTGGAACTTGCCCCGTAAGCACGGTGC
 GGAATT TACCGTGAATGCGCGTAATGAAGATT CAGGCAGACTGTACAGAAGTACACCAACGGTG
 GCGCACACGGCGTGTGACTGCAGTTCACGAGGCAGCATTGCCAGGCAGTGGATATGGCT
 35 CGACGTGCAGGAACAATTGTGTTCAACGGTCTGCCACCGGGAGAGATTCCCAGCATCCGTGTTCAA
 CATCGTATTCAAGGGCCTGACCATCCGTGGATCCCTCGTGGGAACCCGCCAAGACTTGCCGAAG
 CGCTCGATTCTTGACGCCGACTAATCAAGCCAACCGTGAGTGAGTGCTCCCTCGATGAGGTC
 AATGGGTGTGCTTACCGCATGCGAACGGCAAGATCGATGGTGTGGCGATTGTTTC

40 (I) Angaben zur SEQ ID NR. 4:

(1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge: 1002 Basenpaare

(B) Typ: Nucleinsäure

45 (C) Strangtyp: Doppelstrang

12

- (D) Topologie: linear
- (2) Molekülart: DNA
- (3) hypothetisch: nein
- 5 (4) Antisense: nein
- (5) Herkunft:
- (D) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*
- 10 (6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 4:

AAGTGGAGCTCGCGCCTGCAGGTCGACACTAGTGGATCAGAGGCATACTCCGGCGGACTCACC
 TACTCCGGACACCCACTTGCAGTAGCACCCGCCAAGGCAGCGCTGGAGATTACGCCGAAGGAGA
 15 GATCATTCCACCGTAGCTCGACTTGGCGCTGAAGTGATCGAACCTCGCCTTCGTGAAGTAGCGG
 AAGAAAACGTAGCGATCGTGCAGTGCAGGGCATCGGATTCTCTGGCAGTGGAGTTCAATGCA
 GACGCCACTGCCATGGCTGCCGGTGTGCAGAAATTCAAGGAACGCCGTGTGCCGATGATCTC
 CGGCAACCGATTCCACATCGCGCCGCTGACCACCACTGATGACGAATTGGTAGCACTGCTGG
 ACGCGGTGGAAGCTGCAGGCCAAGCTGTCGAGCTGACCTCGCTGGGGCGTTGTTCTAAGTTTC
 20 TAGATAACAAGGCCAGCACAGACCACCATNTCTACGACCCCCAAAAACCGACTCCAAGCTCCGCC
 CGACNAANCCGCGCTCGGCCACCGACCAAGCAGCCGGTCCAGGTTAAAGATTGCTTTCGA
 CGCTCCCTCCACCTCATTCAATGCGCGGAAGGGATTTCCTTGCATGTTAAGCCTATAGGAAA
 AAGTGTGTTGCATATCACCCCTGTATTCAAACACTTGAGCGGGTAGANTGGGTGGTAACNACCCNG
 25 GGAAAGGGGGAAAGACACCATGAGCATNCACNTCCAAGCNCTCNCCACAGCANTCAACGC
 CATCNACAACCATTGGNCAGCATGCTNAACATNGTGTTCNCCANAACAATANANGCNTNNAA
 NCCCGACTCANCNCCCTANAANACNCCTTCACCACAGCCNCCTCGNCCCCAAACCAAACCCCTCG
 CCNAAGCNCAACNCGCCACNCATTNGCTCCCCNCCNTNNATACTNCCNCCCTCGGATATCN
 AGCANGCGCCNCACCGNTCATTTNCCN

30 (I) Angaben zur SEQ ID NR. 5:

- (1) Sequenzcharakteristika:
- (A) Länge: 1007 Basenpaare
- 35 (B) Typ: Nucleinsäure
- (C) Strangtyp: Doppelstrang
- (D) Topologie: linear
- (2) Molekülart: DNA
- 40 (3) hypothetisch: nein
- (4) Antisense: nein
- (5) Herkunft:
- 45 (E) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

13

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 5:

TCCCNATTGGGTACCTTACCTGGTACCCACCCGGGTGGAAAATCGATGGGCCCGGCCGCTCTA
 GAAGTACTCTCGAGAACGTTTGAAATTCTTGGATCCGAGCTGAACACATGGGTGATGTTTT
 5 TGAACCAGCACTGAGGCTGCGCTGGCGCTGTTGAAAGCCCAGGTCAAGACAGCTCTGTGTCAA
 TTGTCCCTGCATTGGGACGTGGCGTTGTATTCACTGCCCCGTGCGAGCAGAACATCAGGCAC
 GAGTCACAGGACTACCTCTTAATCGCCTCGTAGCCAGGCTCGTATTCACTGGCAAAGGTGGGA
 GTTCATCAATGCTGTCGATGTTGCGGATATCCGCCTCATCAGACCAGGAGGATNCACGCNTGAAG
 GTTTCAAGTCCTCAATTCAATGAGTGGGAGTCNCGGTACAGACNATCCANTCCGTATAACTC
 10 GCGCTCTGCCCTGTCGCTGAACGTGGATAACAACCNATCCGTAGTCAGGAGAACCCAACNGTTT
 CGCGGTGCTTCACGGCGCTTAGGCTCGAAACCAGCCTGGTCATCTNCATCTCGATCTCCCTC
 NACAATGGCGCCCACCTTGGCGCTCATTTGTCGCAGATGCAACNACNAANCAATTCTCGTGAATT
 GNCGATCACTGTCNNAAACATCCAATNACAGCGATGTCNNCNGCCTTCTTTCNTGCCGCTGCT
 TTCGCCNCCATGGTCCCAGGCCATCGANTCCTCCATNTGCANATCAAATTCNNTAAANCAGC
 15 TNCNTGTNGTTCCNCACCCNCTTTTANGTCCGAAACCNACCCNCNGAAANAATCCCCACGTC
 AACCTCCCTNTTCCNCTANACCGGGTGATTNCNCTACTTNGGNTCGAATTAAACTTTNA
 NCANATTCCCTCTNGTTTGGGCCTGGGATCATTCCCTATTGATCCTNCTGGTCAAAATTG
 GGNTTNGGCTATTCTCNCCACCCCCCANGGA

20 (I) Angaben zur SEQ ID NR. 6:

(1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge:	748 Basenpaare
25 (B) Typ:	Nucleinsäure
(C) Strangtyp:	Doppelstrang
(D) Topologie:	linear
(2) Molekülart:	DNA
30 (3) hypothetisch:	nein
(4) Antisense:	nein

(5) Herkunft:

35 (F) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 6:

TTGANNCNTNNNGAGCTCCCGCGGTGGCGGCCGCTCTAGAACTAGTGGATCGACACGCTGAC
 40 ATCACCAAGGCTGAAATCAAGGCCAAGCCAGCCGAGCATTATCTCCGTGCCTGCAGCAACTT
 TCACTCCACCTGGAGTTGTTCCCGCAATCGCATTGGGCCAGGAGTTCAAGGAAGTCCACCTCA
 TGGCCCAAGCGCCAAGGCAGCTAGATCGGTGCCACGCACGATCACGCGTGTGAGTGGCCGT
 TCCAGAACATCACCATGGTCGGTGAATTGCGTCCGGTCCCATCAAATGCCAGGTGAGGAAAT
 CATGAGGCAACATCACCGACGCCGTGCGCGCTGCATTCTGGTTCATGATCACGCATCCACCGC
 45 ATTTTGGTGGCAGTTAAAGAACATACACACTTCCCGTGGCATCTACCGCAGCCTGATCGCC
 GCCGATCTCCTCATTGAGATCCAACCGCAGCCTGGGCAGAACGAGTGTCAATTCCATAACAAACGCCG
 GGCGAACGATTTCATCGTTTCACTCCAAACGCCACCATGCCGTGCTGGCCTGCAATAGATACA

14

GCGTCCGCGCGTTCTAACAAACCCCTGGTAGCTTGATCCAGCGCAGCGATCCACGCACGTGGATC
 TACTTCGACCCGTTCGGGGTGACTCGCGCGGCTCGTCGATACTGGCCGGTGGCGGCGTCACAA
 GCAAAAGCCTTGAGGAATGGGTGGGAACATATC

5 (I) Angaben zur SEQ ID NR. 7:

(1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge: 648 Basenpaare
 10 (B) Typ: Nucleinsäure
 (C) Strangtyp: Doppelstrang
 (D) Topologie: linear
 (2) Molekular: DNA
 (3) hypothetisch: nein
 15 (4) Antisense: nein

(5) Herkunft:

(G) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

20 (6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 7:

TGCAGCCC GG GGGATCACCGACGCCAAGGCTACGTAGGAATCCCCTCCCCGACACCATCGTGGC
 CATCGCAAACCCAGAAAACCTCGACGAAACCATGCCGACGGCAGCGAAGGGGAAGTCCTAGTCA
 AGGGCCCACAGGTGTTCAAGGGTTACCTCAACCAGGAAGAAGCCACCAAGAACAGCTTCCACGGC
 25 GAGTGGTACCGCACC CGCGACGTCGGAGTGATGGAAGAACGAGGGTTCATCCGCCTAGTTGCTCG
 CATCAAGGAAGTCATCATCACTGGCGGTTCAACGTGTACCCAGCTGAGGTTGAAGAACGCTCTCG
 CAGAGCACCCAGACATTGAAGATTCCGCAGTCGTTGGTATCCCGCGTGAAGAACGGCTCCGAAAC
 GTCGTTGCTGCATCACTTGGTGGAGGTGCAGCGCTGGATCCGGATGGCCTGAAGGAATTCGCC
 GCAAGAACCTACCCGCTCAAGGTCCCGCGACTTTCTACCAACTTGAGGAGATGCCCGGGATCA
 30 GATGGCAAGATTAGGCGTCGTGAAGTGCANGCGGAGTTGTTGAAGAACCTCGGCAGTNACGCCGAT
 TAAGAGGGTCAGTTCCAAATGGCACTTACCAATTGGNCTAGTTACCCCCANAAGCATTGAGGG
 TTCCACTTTACCCAGTGGGNTGTGATCCTNT

(I) Angaben zur SEQ ID NR. 8:

35

(1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge: 698 Basenpaare
 (B) Typ: Nucleinsäure
 40 (C) Strangtyp: Doppelstrang
 (D) Topologie: linear
 (2) Molekular: DNA
 (3) hypothetisch: nein
 45 (4) Antisense: nein

15

(5) Herkunft:

(H) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

5 (6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 8:

GCAGCCGGGGATCCTGGTGNCAACCACCGTGACATGCTCAAGATGGAACAGCAAATCGACTC
 CCTGGCACCAAGCGATGCGAAGCGCTACATGCACCACTACAACCTCCCTCCATACTCCACCGGTG
 AAACCGGTGTCGTGGGCTACCAAAGGCCGCGAAATGGCCACGGTGCAGTGCAGAACGCGCA
 10 GTTTGCCAGTAATCCCATCCCGTGAGGAATTCCCATACGCAATCCGTAGGTCTCTGAAGCTCT
 GGGCTCCAACGGCTCCACCTCCATGGGCTCTGTCTGTGCATCCACTCTGTCCCTGTACAACGCTG
 GTGTTCCACTGAAGGCACCTGTTGCAGGTATGCCATGGGACTTGTTCGGTGAATCGACGGC
 AAGACCGAGTACGTTGACTGACCGACATCCTCGGCGAGAACAGCATTGGCGACATGGACTT
 CAAGGTTGCCGGCACCGCAGACTTCATACCGNACTTCAGCTGGACACCAAGCTGGACNGCATTCC
 15 TTCAAGGTGCTCTCGATGCGCTTGAGCANGCACGCGATNCCGACTGACATCTGAACACATGGCT
 GATGTATCAACGGACCTTGATGAGATGAGCAAGTCGTTCTGCATACCAACCGNGAAATCCCATGG
 CAAAATCGNGACTGTCGACCAAGGGTAGACATTACGCTTACNATTG

(I) Angaben zur SEQ ID NR. 9:

20

(1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge:	1159 Basenpaare
(B) Typ:	Nucleinsäure
25 (C) Strangtyp:	Doppelstrang
(D) Topologie:	linear
(2) Molekülart:	DNA
(3) hypothetisch:	nein
30 (4) Antisense:	nein

(5) Herkunft:

(I) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

35

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 9:

TTNANNCGTTGGAGCTCCCCGCGGTGGCGGCCGCTCTAGAACTAGTGGATCACACAAAATGATT
 AGATTGTGTGCGAATTCAATGCCATTGCTGTCTATATGCAGTACGCATGGCAACACTATAAGGCGA
 40 TAATGGTATTCTGCAGGCCTAAACACCCCTTAAGATTGAATCACCTAATAATGGGGATAGC
 CAACTATTGGCGGGGTAAGT
 ATTAATTAACCTCCGGAGTTCCATTCTGCCTTTAGGAACAGTGGCATCCTCAGGA
 TCGTCCAACCAGCCATCTGGAAGTCCCACCTTGCAGGAGGCCCTGTCGACCTCGCACCTTC
 CGCGTCCCTGCCCCGGTGRAGTCAGCCATGGTGCTAGGAGATCCTCAAGCTCACATAGG
 45 TGGAAACCTTGGCCAGATTGGAGCGGAATTCGCCGCCAACAGGGAAACCGCGCAGGTCCAACCCA
 TGTGCTTACGCAGATGCCAGCCCCCTGGTTGCCATCATGCTGCATGAGGAGTTCTGGGTGG
 CGCAGGATGATTGGTAACCTCGCCGAAGGTAGGCTCTGGGATTCTCCACGAACAGC

16

AGCAGCAGCTCAGCAAAGAGCCAAGGCCTGCCAGGCAACCACgGCCAACCACGACGCCATCGC
 AGCCAGTTGCTCCATCATGCGCGTGCATGGATGCCGAAAATATGCCATTGCCAAACT
 GGGATGCCGGTATCTGCCAAATGCTCYTCAGGCAGCAGTCTYGTCCAATCAGCCTCACCGGA
 ATAGCGCTGCAGCAGTGCAGGCGTGAAGCGCTACGGACTTCAGCCGGCTGACAGCAATGC
 5 GTCCAGCATCCAAGTGAGTATGGTGCATCATCAATAACCAACGCGGAACCTCACCGTCACCGGA
 ATGTCCGTGCCTTCCGTAGCCTTCACAGCCGGAAACGATGTTCAAACAAACGGCGCTTGTGTA
 AGGAATCGCAGAACGCCACCCCAGCGCTGACCTTGAACCGGGCAGCAAAGTTCATATCAA
 TATGATCCCCCGGGCTGCAGGAATTGATATCAAGCTTATCGATAACGTCACCTCGAGGGGGGG
 CCCGGTACCCAGCTTGTGTTCCAANGNTCCAA

10

(I) Angaben zur SEQ ID NR. 10:

(1) Sequenzcharakteristika:

15 (A) Länge: 761 Basenpaare
 (B) Typ: Nucleinsäure
 (C) Strangtyp: Doppelstrang
 (D) Topologie: linear

20 (2) Molekülart: DNA
 (3) hypothetisch: nein
 (4) Antisense: nein

(5) Herkunft:

25 (J) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 10:

30 TTGAANCCTTANNGGAGCTCCACCGCGGTGGCGGCCGCTCTAGAACTAGTGGATCTGATTCACT
 CGAGCTTGTGAAACTGTCAAGGTGTTGCCTCACTCACCAGTCAATGTGACCGGTGCTGTGG
 CTGATGTTCCAGAGTTGGTCTGCGCAAGGCTGTCGGCGCTCTCACGGTGCTTGATGCGTGC
 CAGTCTGTTCCCTCATATGCCAGTGAATTCCACGAGCTGGATGTAGATTCTCTGCATTCTCTGG
 CCATAAGATGCTGGGACCTGCAGGCGTGGCGTTGTATGCAAAGTCCCCAATCTGGATGAAC
 35 TGCCACCATTGGACTGGTGGTTCCATGATTGAAGTTGTCACCATGGAGGGTTCCACCTACGCT
 GCCGCACCTCAACGTTTGAGGCCGGCACGAGATGACCAGCCAGGTTGTGGGCTTGGGTGCTGC
 CGTGGACATGCTGAATGAAATCGGTATGGAAGCAATCGCAGCNGCATGAGCACGATTGACTGCT
 TACGCGTTGGAAAAGCTACGGCAATTAAAGGGACTAACCAATTGCTGGTCCCTTGACTGCAGAG
 CATCGCGGNGGTGCAATCAGCTTGTGTCANGCATTCAACNACGATCTANGGCAAAGTGC
 40 TTGACCATCAGGGCGTGAATATTCCGNGTGGCACCACGTGCGTGGGCTGCACCGCANCATT
 GAACGTNCAATNGNANACAAGAGCATTTCTATCTATTACACC

(I) Angaben zur SEQ ID NR. 11:

45 (1) Sequenzcharakteristika:

(A) Länge: 791 Basenpaare

17

(B) Typ: Nucleinsäure
(C) Strangtyp: Doppelstrang
(D) Topologie: linear

5 (2) Molekularart: DNA
(3) hypothetisch: nein
(4) Antisense: nein

(5) Herkunft:

10

(K) Organismus: *Corynebacterium glutamicum*

(6) Beschreibung der Sequenz: SEQ ID NR. 11:

15 TTGACCCTT TAGCTGGGTACCGGGCCCCCTCGAGGTCGACGGTATCGATAAGCTTGATATCGA
ATTCCCTGCAGCCCGGGGATCTTCATGCCAACAAACTGACCGCGGAAACGATCATCTTCTCAA
ATTCTGTGAGCTTTCCAGCGCCTGTCGACGGGTTGGCCCACGATCTCCTCGGCCATAACGGAC
GTGGAGGCCTGGCTGATTGAGCAACCAACTGCTCGTAGGAGACGTCCTCACGGTGGAGCCGTC
CTCAGACAGCTTCACGCGCAGAGTCAATTGCTGCCACAAGAAGGGTTGACGTGGTGAACCTCAG
20 CATCGAAAGGATCCCGAAGGCCCTGTGCTGTGGGTTTTGTAGTGGTCCAGGATCACCTCCTGG
TACATCTGCTCAAGGTTCAATTACTCAACTCCAAGAATTGCTTGGCCTCTCGATCGCTGCCGCG
AGGCGGTCGATTCTCGAAGGTGTTAGAGATAGAAAGATGCTCTGCTGTCGATTGTACCGT
TCATGCTGCGGTGCACGGCCACGCGCAGTGGTGGNCACGCCGGATATTCACGCCCTGATCGTCA
AGCACTTGGCCTAACNGTGTGGGTGAATGCCCTGACACCGAACTGATGCACCGCGNCTGCTNTN
25 CATCAAAAGGACCANCNATGGGTAAGTCCTTAATGCCNGAGCTTTCAACCGTAAGCAGGTAA
TGCNNCTATGCNCTGCGATGNTTCAACCGATTNNNTAAGANTNTCCCCGGNTNCCCNANCC
NAAACTGGTTN

30

35

40

45

Patentansprüche

1. Ein gereinigtes Polynucleotid mit einer Nukleinsäuresequenz,
5 die aus der folgenden Gruppe ausgewählt ist: SEQ ID NR. 1, SEQ ID NR. 2, SEQ ID NR. 3, SEQ ID NR. 4, SEQ ID NR. 5, SEQ ID NR. 6, SEQ ID NR. 7, SEQ ID NR. 8, SEQ ID NR. 9, SEQ ID NR. 10, SEQ ID NR. 11.
- 10 2. Ein Expressions-Vektor mit einem dem Anspruch 1 entsprechenden Polynucleotid.
3. Eine Wirtszelle, die mit dem Expressions-Vektor aus Anspruch 2 transformiert ist.
- 15 4. Eine Methode zur Herstellung und Reinigung eines Polypeptids, die aus folgenden Schritten besteht:
 - (a) Kultivierung der Wirtszelle aus Anspruch 3 unter Bedingungen, die für die Expression des Peptids geeignet sind; und
 - (b) Gewinnung des Polypeptids aus der Wirtszellkultur.

25

30

35

40

45